# Méta-Genèse. Vers une biologie sans matière, fondée sur une logique pure : Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique

**Résumé et compilation**

**par Victoria Kayser-Cuny**
(diplômée en génétique moléculaire, avec sous-spécialisation en physique des particules, paléogénétique/génétique de l'évolution, et astrobiologie. Acceptée pour un troisième cycle de cytogénétique dans une faculté de médecine française en 2026).

Une première version initiale anglophone a été pré-publiée sur ce DOI:
Kayser-Cuny, V. (2025). Meta-Genesis. Towards a Biology without Matter, based on Pure Logic. Multi-Scale Numerical Invariants and Fractal Properties of the Genetic Code (Abstract and compilation). Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17380151

**Note :** Le présent travail a été déposé sur Zenodo, HAL (fiche technique pour horodatage) et Archive.org. La protection du droit d'auteur a été enregistrée dans plusieurs pays. Ces dépôts établissent la preuve d'antériorité et de maternité de cette recherche. *Une évaluation par les pairs est en cours.*

**Mots-clés :** biologie quantique, biologie synthétique, biomathématiques, bioinformatique, théorie de l'information, code génétique, combinatoire, invariants, codons, ADN, atomes, échelles numériques, constantes mathématiques, mathématiques discrètes, astrobiologie, exobiologie.

**Résumé :**
Après plusieurs années de recherche, j'achève le cycle *Meta-Genesis — Vers une biologie sans matière, fondée sur une logique pure* — un travail dans lequel j'ai identifié une séquence d'invariants numériques reliant la chimie des étoiles à la biologie moléculaire, et ceci grâce à une seule équation. J'ai voulu utiliser une **loupe mathématique**, un changement de perspective comparable à celui du Carré de *Flatland* découvrant la réalité des cubes, ou au passage conceptuel du cercle à la sphère de Bloch en physique quantique.

Cette séquence s'étend à toutes les échelles :
→ les étoiles (où naissent les éléments CHON — carbone, hydrogène, oxygène et azote),
→ CHON
→ les acides nucléiques (adénine, guanine, thymine et cytosine),
→ les doublets théoriques proposés par Francis Crick,
→ les triplets codoniques,
→ jusqu'à un code quaternaire hypothétique,
→ mais également les acides aminés, et même les virus ou les systèmes alternatifs envisagés en exobiologie (silicium, phosphore, soufre).

Les mêmes constantes réapparaissent à chaque niveau — comme si la vie était écrite dans la même grammaire mathématique que la matière dont elle est issue.

C'est ce que j'appelle : **une théorie unifiée de l'information biologique — des étoiles aux codons.**

En m'appuyant sur les travaux de Turing, von Neumann et Shannon, j'ai démontré mathématiquement que le code génétique se comporte comme un automate logique universel — un système qui s'auto-organise à partir de sa propre syntaxe.

Des étoiles aux codons, la vie calcule sa propre cohérence — et la vie est, avant tout, **information avant d'être chimie.** Encore mieux, ces invariants ont permis d'établir des **prédictions** relatives à un code génétique quaternaire hypothétique, ultérieurement **confirmées expérimentalement**, ainsi que des prédictions impliquant des combinaisons d'acides aminés et de protéines. Fait remarquable, les mêmes motifs invariants apparaissent également dans les combinaisons silicium–phosphore–soufre, avec une différence d'environ 2 % seulement, ce qui suggère une universalité chimique plus large. Ces découvertes ouvrent la voie à de nouvelles applications en biologie synthétique, mais aussi en exobiologie, où elles pourraient constituer un outil puissant de modélisation et de détection de formes de vie alternatives.

Méthode (loupe mathématique) à la base de toute cette recherche :

$$v_i = p_i \cdot n_i \cdot e_i$$

**v** = logical value of a codon raised to the cube
**p** = number of protons
**n** = number of neutrons
**e** = number of electrons

The value, once cubed, is then divided by 4 in order to reflect the quaternary nature of the system (four main atoms, four bases, codons organized into groups of four):

$$f(n) = \frac{n^3}{4}$$

This methodology brings out constant numerical patterns that appear to correspond to logical transitions. The underlying hypothesis is that the architecture of DNA encodes ON/OFF-type states within a logical sequence, organizing life as a natural finite automaton.

**PROPOSITION D'UNE UNITÉ CODONIQUE THÉORIQUE (UCT) avec cette méthode :**

| | Series of numbers – subatomic particles raised to the cube | Combinaison | Family | Number of particles cubed and divided by 4 | Constant numerical patterns |
|---|---|---|---|---|---|
| | **1** | Electron | Particle | **0.25 ou 1 ?** | Does not apply. |
| +26 | **27** (3 quarks = 3 x 3 x 3) | Proton | Particle | **6.75** (27/4) | |
| +0 | **27** (3 quarks = 3 x 3 x 3) | Neutron | Particle | **6.75** (27/4) | |
| 1 | **1** (1 electron x 1 proton) | Hydrogène | Atom | **0.25 ou 1 ?** | **1** |
| +215 | **216** (6 protons x 6 neutrons x 6 electrons) | Carbone | Atom | **54** (216/4) | +54 |
| +127 | **343** (7 protons x 7 neutrons x 7 electrons) | Azote | Atom | **85.75** (343/4) | +31.75 |
| +169 **= 512** | **512** (8 protons x 8 neutrons x 8 electrons) | Oxygène | Atom | **128** (512/4) | +42.25 (note : 54 + 42.25 = **96.25**, et 54 + 31.75 + 42.25 = **128**) |
| +1898 | **2410** [$C_4H_5N_3O$ = (216x4) + (1x5) + (343x3) + (512x1) = 2140] | C | Nucleic base | **602.5** (2410/4) | **+474.50** (97.5 + 377) |
| +386 | **2796** [$C_5H_6N_2O_2$ = (216x5)+(1X6)+(343x2) +(512x2) = 2796) | T | Nucleic base | **699** (2796/4) | **+96.5** |
| +4 | **2800** [$C_5H_5N_5$ = (216x5)+(1x5)+(343x5) = 2800) | A | Nucleic base | **700** (2800/4) | **+1** |
| **+512** | **3312** [$C_5H_5N_5O$ = (216x5)+(1x5)+(343x5) +(512x1) = 3312) | G | Nucleic base | **828** (3312/4) | **+128** |
| +1508 | **4820** | CC | Theoretical | **1205** | **+377** |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | (C+C = 2410+2410) | | ancient code with doublets | (4820/5) | |
| +386 | **5206** (T+C or C+T = 2796 + 2410 = 5206) | TC-CT | Theoretical ancient code with doublets | **1301.5** (5206/4) | **+96.5** |
| +4 (1508 + 396 + 4 = 1898) | **5210** (A+C or C+A = 2800+2410 = 5210) | AC-CA | Theoretical ancient code with doublets | **1302.5** (5210/4) | **+1** |
| +382 | **5592** (T+T = 2796+2796 = 5592) | TT | Theoretical ancient code with doublets | **1398** (5592/4) | +95.5 |
| +4 | **5596** (A+T or T+A = 2800+2796= 5596) | AT-TA | Theoretical ancient code with doublets | **1399** (5596/4) | +1 |
| +4 | **5600** (A+A=2800 +2800) | AA | Theoretical ancient code with doublets | **1400** (5600/4) | +1 |
| +122 | **5722** (C+G or G+C= 2410+3312=5722) | CG-GC | Theoretical ancient code with doublets | **1430.5** (5722/4) | +30.5 (note : 95.5 + 1 + 1 + 30.5 = **128**) |
| +386 | **6108** (T+G or G+T = 2796+3312 = 6108) | TG-GT | Theoretical ancient code with doublets | **1527** (6108/4) | **+96.5** |
| +4 | **6112** (A+G or G+A = 2800 + 3312=6112) | AG-GA | Theoretical ancient code with doublets | **1528** (6112/4) | **+1** |
| **+512** | **6624** (G+G = 3312+3312=6624) | GG | Theoretical ancient code with doublets | **1656** (6624/4) | **+128** |
| +606 | **7230** (C+C+C=2410+2410+2410=7230) | CCC | Codon | **1807** (7230/4) | +151 |
| +386 | **7616** (C+C+T or T+C+C or C+T+C = 2410+2410+2796 = 7616) | CCT-TCC-CTC | Codon | **1904** (7616/4) | **+97** |
| +4 | **7620** (C+C+ A or A+C+C or C+A+C = 2410+2410+2800 = 7620) | CCA-ACC-CAC | Codon | **1905** (7620/4) | **+1** |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| +382 | **8002**<br>(T+C+T or C+T+T or T+T+C = 2796+2410+2796 = 8002) | TCT-CTT-TTC | Codon | **2000.5**<br>(8002/4) | +95 |
| +4 | **8006**<br>(T+C+ A or A+C+T or C+T+A or A+T+C or C+A+T or T+A+C = 2796+2410+2800 = 8006) | TCA-ACT-CTA-ATC-CAT-TAC | Codon | **2001**<br>(8006/4) | +1 |
| +4 | **8010**<br>(A+C+A or C+A+A or A+A+C = 2800+2410+2800 = 8010) | ACA-CAA-AAC | Codon | **2002.5**<br>(8010/4) | +1 |
| +122 | **8132**<br>(C+C+G or G+C+C or C+G+C = 2410+2410+3312= 8132) | CCG-GCC-CGC | Codon | **2033**<br>(8132/4) | +31<br>(note : 95 + 1 + 1 + 31 = **128**) |
| +256 | **8388**<br>(T+T+T = 2796+2796+2796= 8388) | TTT | Codon | **2097**<br>(8388/4) | +64 |
| +4 | **8392**<br>(T+T+A or A+T+T or T+A+T = 2796+2796+2800 = 8392) | TTA-ATT-TAT | Codon | **2098**<br>(8392/4) | +1 |
| +4 | **8396**<br>(A+T+A or T+A+A or A+A+T = 2800+2796+2800 = 8396) | ATA-TAA-AAT | Codon | **2099**<br>(8396/4) | +1 |
| +4 | **8400**<br>(A+A+A = 2800 +2800+2800 = 8400) | AAA | Codon | **2100**<br>(8400/4) | +1 |
| +518 | **8518**<br>(T+C+G or G+C+T or C+T+G or G+T+C or C+G+T or T+G+C = 2796+2410+3312= 8518) | TCG-GCT-CTG-GTC-CGT-TGC | Codon | **2129.5**<br>(8518/4) | +28.5<br>(note : 64 + 1 + 1 +1 +28 = **95.5**) |
| +4 | **8522**<br>(A+C+G or G+C+A or C+A+G or G+A+C or C+G+A or A+G+C = 2800+2410+3312= 8522) | ACG-GCA-CAG-GAC-CGA-AGC | Codon | **2130.5**<br>(8522/4) | **+1** |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| +382 | **8904** (T+T+G or G+T+T or T+G+T = 2796+2796+3312= 8904) | TTG-GTT-TGT | Codon | **2226** (8904/4) | +96 |
| +4 | **8908** (A+T+G or G+T+A or T+A+G or G+A+T or T+G+A or A+G+T = 2800+2796+3312= 8908) | ATG-GTA-TAG-GAT-TGA-AGT | Codon | **2227** (8908/4) | +1 |
| +4 | **8912** (A+A+G or G+A+A or A+G+A = 2800+2800+3312= 8912) | AAG-GAA-AGA | Codon | **2228** (8912/4) | +1 |
| +122 | **9034** (G+C+G or C+G+G or G+G+C = 3312+2410+3312= 9034) | GCG-CGG-GGC | Codon | **2258.5** (9034/4) | +30.5 (note : 96 + 1 +1 + 30 = **128.5**) |
| +386 | **9420** (G+T+G or T+G+G or G+G+T = 3312+2796+3312= 9420) | GTG-TGG-GGT | Codon | **2355** (9420/4) | **+97** |
| +4 | **9424** (G+A+G or A+G+G or G+G+A =3312+3312+2800= 9424) | GAG-AGG-GGA | Codon | **2356** (9424/4) | **+1** |
| **+512** | **9936** (G+G+G= 3312+3312+3312= 9936) | GGG | Codon | **2484** (9936/4) | **+128** |

Il est également possible d'inclure les codons suivants (avec l'uracile à la place de la thymine) :

| | | | |
|---|---|---|---|
| UGA | STOP | 8872 | 2218 |
| UAG | STOP | 8872 | 2218 |
| UAA | STOP | 8360 | 2090 |
| AUG | START | 8872 | 2218 |

UGA, UAG et AUG possèdent exactement la même valeur logique.

Fait remarquable, les 64 codons du code génétique se prêtent parfaitement à cette interprétation booléenne. De la même manière que les ingénieurs en électronique appliquent la première loi de l'algèbre de Boole pour optimiser un circuit **on/off**, on peut considérer la table des codons comme un **schéma logique** : chaque triplet agit comme un **motif d'entrée binaire**, et l'acide aminé correspondant constitue la **"sortie" déterministe** de cette opération logique. Toutes les combinaisons ont été testées avec **TCAG** (toutes les combinaisons sont disponibles dans l'article original et dans la section *Data Availability – Part 1*).

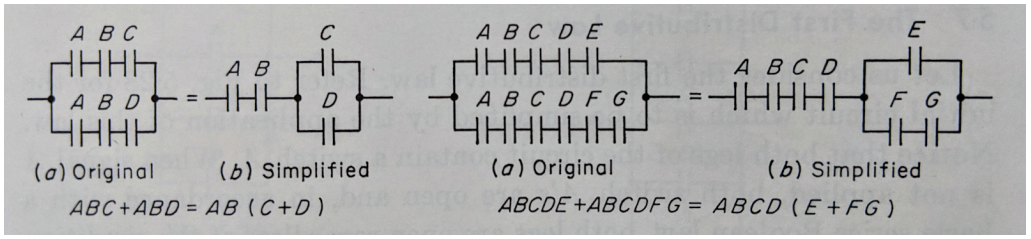


Illustration of the First Distributive Law
Binary Arithmetic and Boolean Algebra, p. 82 (Angelo C. Gillie, 1965).

Exemples commençant avec « C » dans les pages suivantes
(tables complètes disponibles à ce lien : https://zenodo.org/records/17306204)

La séquence 1.96-97, 128 apparaît encore plus clairement.

| DNA | Original | Simplified | Results | | |
|---|---|---|---|---|---|
| CCC | CTAGC CTAGCC | CTAG [ C ] = CTAGC+CTAGCC [CC ] | CTAG (C+CC) | 1807 | |
| CCT | CTAGC CTAGCT | CTAG [ C ] = CTAGC+CTAGCT [CT ] | CTAG (C+CT) | 1904 | +97 |
| CCA | CTAGC CTAGCA | CTAG [ C ] = CTAGC+CTAGCA [CA ] | CTAG (C+CA) | 1905 | +1 |
| CCG | CTAGC CTAGCG | CTAG [ C ] = CTAGC+CTAGCG [CG ] | CTAG (C+CG) | 2033 | +128 |
| CTC | CTAGC CTAGT C | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGTC [TC] | CTAG (C+TC) | 1904 | |
| CTT | CTAGC CTAGTT | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGTT [TT] | CTAG (C+TT) | 2000 | +96 |
| CTA | CTAGC CTAGT A | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGTA [TA] | CTAG (C+TA) | 2001 | +1 |
| CTG | CTAGC CTAGT G | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGTG [TG] | CTAG (C+TG) | 2129 | +128 |
| CAC | CTAGC CTAGA C | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGAC [AC] | CTAG (C+AC) | 1905 | |
| CAT | CTAGC CTAGA T | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGAT [AT] | CTAG (C+AT) | 2001 | +96 |
| CAA | CTAGC CTAGA A | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGAA [AA] | CTAG (C+AA) | 2002 | +1 |
| CAG | CTAGC CTAGA G | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGAG [AG] | CTAG (C+AG) | 2130 | +128 |
| CGC | CTAGC CTAGG C | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGGC [GC] | CTAG (C+GC) | 2033 | |

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| CGT | CTAGC CTAGG T | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGGT [GT] | CTAG (C+GT) | 2129 | +96 |
| CGA | CTAGC CTAGG A | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGGA [GA] | CTAG (C+GA) | 2130 | +1 |
| CGG | CTAGC CTAGG G | CTAG [ C ] = CTAGC +CTAGGG [GG] | CTAG (C+GG) | 2258 | 128 |

L'intégralité de cette première partie se trouve sur ce lien :
Ref. Kayser-Cuny, V. (2025). (Part 1) Multi-Scale Numerical Invariants and Fractal Properties of the Genetic Code: A Combinatorial and Atomic Analysis. Zenodo. https://zenodo.org/records/17068705

**Partie 2 – Contraintes internes et grammaire universelle**

Dans cette seconde phase, je démontre que le code génétique est régi par des contraintes internes strictes, révélant une **grammaire implicite** — semblable à un **langage autonome**, où l'assemblage des unités d'information obéit à une syntaxe.

Les distributions numériques en paquets, les groupements codon/acide aminé et les motifs récurrents observés à travers les différentes échelles (doublet → triplet → quaternaire) mettent en évidence l'existence d'une **grammaire biologique universelle**.

Cette grammaire demeure stable malgré les variantes connues du code génétique : les déviations observées conservent les constantes sous-jacentes, comme si l'évolution n'était qu'une **modulation de surface** reposant sur une **structure logique fixe**. J'avance que le génome reflète plus qu'une fonction biologique : il encode un **système organisationnel fondé sur la syntaxe**, antérieur au métabolisme. Dans ce cadre émerge la constante **Δ = +225,5**, précisément la somme de **1, 96,5 et 128**. Δ = 225,5 représente le **point d'équilibre entre les états numériques atomiques et codoniques.**

**Explications : Formalisation matricielle des "blocs isolés" et de leur auto-génération à partir des groupes de 1 dans la table codonique théorique.**

Vecteur générateur (noyau minimal)
Les neuf blocs isolés sont regroupés en un **vecteur colonne générateur**, représentant le noyau structurel minimal du système. Ce vecteur constitue la **condition initiale** à partir de laquelle toutes les valeurs additives et prédictives ultérieures peuvent être dérivées. Par des opérations matricielles successives (additions et combinaisons récursives), le système **reconstruit une partie de sa propre structure invariante**, démontrant ainsi sa **capacité d'auto-génération** et sa **cohérence interne** au sein du cadre codonique.

$$\mathbf{b} = \begin{bmatrix} 602.5 \\ 828 \\ 1205 \\ 1430.5 \\ 1656 \\ 1807 \\ 2033 \\ 2258 \\ 2484 \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^9$$

This vector represents the minimal fractal basis —
the set of fundamental “blocks” from which the system’s structure emerges.

**Distributions à longueurs de séries (RL) — Symétrie fractale brisée et analogie avec la physique des particules**

L’organisation des groupements numériques dérivés de l’Unité Codonique Théorique, lorsque l’invariant **128** est neutralisé, révèle une progression en couches : **1, 3, 6, 9**. Cette séquence suit la logique des **nombres triangulaires** et reflète directement la **structure combinatoire du triangle de Pascal** *(1, 3, 6, 10)*.

Construction by Packets: Triangularization of Consecutive Numbers

| Packet (n) | Values Contained in Each Packet |
|---|---|
| Packet 1 | 602.5, 828, 1205, 1430.5, 1656, 1807, 2033, 2258, 2484 |
| Packet 2 | 699, 700 (= 1399), 1301.5, 1302.5 (= 2604), 1904, 1905, 2129, 2130 |
| Packet 3 | 1398, 1399, 1400, 2000, 2001, 2002, 2226, 2227, 2228 |
| Packet 4 | 2097, 2098, 2099, 2100 |

Number of Elements per Packet

| Packet | Number of Elements |
|---|---|
| 1 | 9 |
| 2 | 6 |
| 3 | 3 |
| 4 | 1 |

Cependant, au lieu de culminer à **10**, la séquence s'interrompt à **9**. Ce déficit d'une unité constitue un cas de **symétrie fractale brisée** : le modèle global — la **loi binomiale universelle** — est bien présent, mais son expression est **contrainte**, arrêtée avant d'atteindre son plein développement.

Cette situation rappelle la **brisure spontanée de symétrie** en **physique des particules**. Dans le **Modèle standard**, les équations fondamentales prédisent une symétrie parfaite entre les particules. Pourtant, cette symétrie est rompue par le **mécanisme de Higgs** : une contrainte interne au système confère une masse aux particules, au prix d'une déviation par rapport à la symétrie théorique idéale.

De manière analogue, la progression combinatoire observée dans le code génétique exprime une **universalité mathématique** (la séquence triangulaire), mais son expansion est **limitée par une contrainte interne** qui en restreint la croissance.

En termes géométriques, la séquence ne forme pas un **tétraèdre parfait**, mais un **quasi-tétraèdre tronqué**.

Ainsi, cette rupture ne représente pas une imperfection, mais bien **une signature systémique** : la vie n'applique pas les lois mathématiques de manière brute — **elle les module**. Dans ce cadre numérique, la vie apparaît comme un **compromis entre symétrie universelle** (la combinatoire de Pascal) **et contrainte locale** (la régulation interne du code).

**Parallèle avec la structure quantique des orbitales électroniques**

La séquence numérique mise en évidence dans la table des invariants — 1, 3, 6, 9 — peut être interprétée à travers le prisme de la quantification électronique. En mécanique quantique, les électrons d'un atome occupent des couches (n = 1, 2, 3, …) et des sous-couches (s, p, d, f), chacune correspondant à un nombre limité d'orbitales :

- s → 1 orbitale, 2 électrons (règle générale : $2n^2$)
- p → 3 orbitales, 6 électrons
- d → 5 orbitales, 10 électrons
- f → 7 orbitales, 14 électrons

Ces orbitales représentent des degrés de liberté directionnels dans l'espace, chacune pouvant accueillir deux électrons de spins opposés.

De manière remarquable, la progression observée dans le système invariant reflète directement cette logique :

- 1 → l'électron unique, état fondamental, comme dans la configuration de l'hydrogène ($1s^1$).

- 3 → le triplet directionnel, équivalent aux trois orbitales p ($p_x$, $p_Y$, $p_z$), formant une base géométrique orthogonale.

- 6 → doublement de ce triplet par le spin (3 orbitales × 2 électrons = 6), signature exacte de la sous-couche p.

- 9 → l'étape suivante, qui correspondrait théoriquement au début de la sous-couche d (5 orbitales × 2 = 10), mais s'arrête une unité plus tôt.
  Cette troncature représente une symétrie brisée, précisément analogue à la croissance triangulaire où la valeur attendue est remplacée par 9.

Ainsi, la séquence 1–3–6–9 révèle un isomorphisme profond entre la combinatoire des invariants et la structure quantique des orbitales électroniques.
Elle exprime à la fois :

- une universalité fractale, où les mêmes lois mathématiques gouvernent les nombres, les orbitales et les codons ; et

- une limitation interne (symétrie brisée à 9) qui confère au système sa signature propre.

Ce parallèle suggère que la logique combinatoire identifiée au sein du code génétique ne se limite pas au domaine biologique. Elle prolonge les principes d'organisation de la matière atomique elle-même — de la quantification des électrons dans les orbitales à la quantification des codons dans le génome.

### Comparaison entre la séquence des invariants et les orbitales électroniques

| Sequence of Invariants | Combinatorial Interpretation | Electronic Structure | Number of Orbitals / Electrons |
|---|---|---|---|
| 1 | Seed, isolated ground state | *s* subshell | 1 orbital → 2 max electrons (but starts with 1) |
| 3 | Directional triplet | *p* subshell ($p_x$, $p_y$, $p_z$) | 3 orbitals → 6 electrons |
| 6 | Doubling by spin (3×2) | Complete *p* subshell | 6 electrons (2 per orbital) |
| 9 | Truncated quasi-volume, rupture | Beginning of *d* subshell (should tend toward 10) | 5 orbitals × 2 = 10 (but system limited to 9) |

La logique fractale du vivant n'est donc pas un accident statistique, mais l'expression d'un **principe organisateur universel**, en résonance entre le **langage de la physique quantique** et celui de la **biologie moléculaire** — comme le démontrera la simulation d'un **code quaternaire hypothétique**.

### Distributions à longueurs de séries (RL) observées à différentes échelles

| Level of Analysis | RL(1) | RL(2) | RL(3) | RL(4) | RL(5) | Observed Signature |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Quaternary Code (256) | 5 | 4 | 3 | 2 | 1 | Decreasing staircase (Lmax = 5) |
| Codons (64) | 9 | 6 | 3 | 1 | – | Truncated triangular progression (≈ Pascal 1, 3, 6, 10 → stops at 9) |
| Doublets (16) | 3 | 2 | 1 | – | – | Decreasing staircase (Lmax = 3) |
| Bases (4) | 2 | 1 | – | – | – | Decreasing staircase (Lmax = 2) |
| Atoms | 4 | – | – | – | – | Singletons only |
| Particles | 1 | 1 | – | – | – | Minimal alternation (RL(1) and RL(2)) |

### Le code quaternaire hypothétique

En partant de l'hypothèse d'une **Unité Codonique Théorique (UCT)**, j'ai entrepris la construction d'un **code quaternaire hypothétique**. Comme prévu, les valeurs prédictives identifiées au sein des codons (Tables 1 à 10 de l'article complet) sont conservées dans ce nouveau système. Certaines de ces valeurs s'y insèrent même directement, confirmant que le code quaternaire ne constitue pas une entité distincte, mais plutôt une **extension naturelle de la table des codons**, au sein de laquelle les invariants numériques **préservent leur cohérence interne**.

L'intégralité de cette deuxième partie se trouve sur ce lien :
Kayser-Cuny, V. (2025). (partie 2) Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : Contraintes internes et distributions de paquets multi-échelles révélant une grammaire universelle. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17272446

**Partie 3 – Vers une théorie unifiée de l'information biologique**

Je propose que le **code génétique** fonctionne comme un **automate logique universel**, au sens de **Turing**, **Shannon** et **von Neumann**. Il s'auto-organise à partir de sa propre syntaxe, encode des **états binaires stables** (ON/OFF) et révèle des **symétries logiques** comparables à celles observées en **physique fondamentale**. La vie, dès lors, n'est pas simplement de la biochimie : elle constitue avant tout un **système d'information autonome**.

Ce cadre théorique me permet de formuler une **théorie unifiée de l'information biologique**, retraçant un fil continu allant de la **synthèse stellaire du CHON** jusqu'aux **motifs informationnels des codons**. Ainsi, la biologie apparaît comme une **extension logique de la physique**, où la matière se conforme à des **lois mathématiques internes** pour donner naissance à **l'auto-organisation du vivant**.

## Comparison:

| Physics | Biology (my model) |
|---|---|
| Planck constant (h) | Increment +225.5 (ΔI) |
| Quantum of energy | Quantum of information |
| E = hv | ΔI = +225.5 |

L'intégralité de cette troisième partie se trouve sur ce lien :
Kayser-Cuny, V. (2025). (partie 3) Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : une théorie unifiée de l'information biologique, des étoiles aux codons. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17370308

**Conclusion générale**

Je défends l'idée que, **avant d'être une structure moléculaire, la vie est de l'information pure**. Elle est écrite dans un **alphabet de constantes numériques**, obéit à une **syntaxe logique autonome**, et s'organise en **structures fractales** qui transcendent les échelles. La vie peut ainsi être comprise comme un **objet mathématique naturel**, inscrit dans la **logique profonde de l'univers**.

Cette approche ouvre de **nouvelles perspectives en biologie synthétique et en exobiologie** : si la vie est l'expression d'invariants logiques, elle pourrait exister sous des formes **autres que l'ADN**, pourvu que ces constantes se manifestent dans des structures observables. L'identification de la vie ne dépendrait alors plus de la chimie, mais de la **détection d'une organisation mathématique** — un concept qui constitue le **fondement même de la théorie de la Méta-Genèse**.

**Données primaires complètes, matériaux computationnels et bibliographie**

Kayser-Cuny, V. (2025). (partie 1) Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : une analyse combinatoire et atomique. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17068705

Kayser-Cuny, V. (2025). (partie 2) Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : Contraintes internes et distributions de paquets multi-échelles révélant une grammaire universelle. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17272446

Kayser-Cuny, V. (2025). (Part VI-part 3-1) Multi-Scale Numerical Invariants and Fractal Properties of the Genetic Code: Data Availability [Data set]. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17306204

Kayser-Cuny, V. (2025). (Part VI-part 3-2) Data Availability Part 2 [Data set]. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17368936

Kayser-Cuny, V. (2025). (Part III) The Mirror-Twin Paradox: A New Approach to DNA Understanding the Implications of an Inverted Genome and Its Applications in Molecular Genetics, Neuroscience, and Medicine. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.15390489